

Noticias breves

Tras la pista del oso pardo

¿Cómo puede hacerse un análisis genético de una población animal amenazada de extinción? En determinados casos, la conservación de especies animales exige conocer las relaciones genéticas entre poblaciones aisladas, cuyos individuos deben ser interferidos lo menos posible. De esta forma pueden revelarse relaciones familiares, problemas de endogamia o éxito en la reproducción de animales introducidos. Es lo que ha sucedido con dos estudios realizados en pequeñas poblaciones de oso pardo (*Ursus arctos*) de los Pirineos franceses y norte de Italia. Los riesgos de una anestesia son elevados por lo que se decidió intentar extraer DNA mitocondrial de residuos orgánicos dejados por los osos, y amplificar secuencias determinadas por PCR (polymerase chain reaction). Un grupo francés de Grenoble ha utilizado las raíces de los pelos dejados por los osos en cercas de alambre o en los troncos donde se rascan [Taberlet y Bouvet, *Nature*, **358**, 197 (1992)]. Otro grupo de zoólogos alemanes ha recurrido a los excrementos recientes de los osos italianos [Höss et al., *Nature*, **359**, 199 (1992)]. En ambos casos se logró amplificar un segmento de la región de control del DNA mitocondrial en cantidad suficiente para su secuenciación directa. Los primeros resultados parecen mostrar que la población italiana está genéti-

pero no era correctamente regulado por el AMP cíclico [Drumm et al., *Science*, **254**, 1797 (1991)]. Uno de los dos mecanismos debe ser el que causa la anomalía *in vivo*, pero ¿cuál de ellos?. Un reciente estudio aparentemente ha resuelto el problema [Denning et al., *Nature*, **358**, 761 (1992)]. Al parecer el transporte del CFTR defectuoso sí es bloqueado a 37°C (células en cultivo), pero alcanza la superficie celular cuando la temperatura es inferior (lo que sucede en la incubación de oocitos de rana). En este segundo caso la proteína en su destino definitivo no funciona correctamente, pero retiene la suficiente funcionalidad para hacer suponer que el problema, en humanos afectados de CF, es el bloqueo de transporte de-

pendiente de la temperatura. ¿Bastaría enfriar al paciente (digamos hasta 35°C) para facilitar el acceso del CFTR a la superficie epitelial y paliar el problema?. Los autores del estudio señalan que esto sería demasiado drástico, pero que tal vez la inhalación de aire frío podría reducir la temperatura del epitelio respiratorio en grado suficiente para un correcto procesamiento del CFTR defectuoso. Es preciso recordar que el mayor problema en la CF son las infecciones pulmonares repetidas. En cualquier caso, también queda abierta la posibilidad de interferir con la función del retículo endoplásmico para permitir el escape del CFTR atrapado hacia la superficie celular. **R.M.**

EVOLUCIÓN MOLECULAR DE LOS FÉLIDOS

Un nuevo intento de resolver las relaciones taxonómicas y evolutivas de los Félidos ha surgido recientemente [O'Brien, *Molecular Evolution of Cats* (1991)]; se basa en los principios de la evolución molecular: cuanto antes haya sido la separación de dos especies, mayor será la divergencia en la secuencia de DNA en genes homólogos. Utilizando simultáneamente cinco métodos diferentes (isoenzimas, electroforesis bidimensional, distancia inmunológica, hibridación de DNA y análisis de secuencia de DNA) se obtuvieron unos resultados bastante concordantes entre sí. Los Félidos actuales surgen de tres líneas principales. La primera se separó hace 12 millones de años (m.a.) y originó al grupo de los félidos suramericanos (ocelote, gato de las pampas, etc); la segunda aconteció hace 8 -

10 m.a. e incluye a los gatos de pequeño tamaño (incluido el gato doméstico) que abundan sobre todo por la región Oriental. A partir de los 4 - 6 m.a., se produce la diversificación que da lugar a la más numerosa de las líneas, la de los Panterinos. Primero surgen los pumas y gatos dorados, y tan sólo hace 2 m.a. aparecen los grandes gatos (leones, tigres, leopardos y lince). La mayor sorpresa es la situación de los guepardos, un carnívoro superespecializado y de situación taxonómica confusa (grupo *Incertae sedis*) y que la mayor parte de los autores consideran que se había separado muy rápidamente de las líneas que dan lugar a los otros félidos. Los datos moleculares sitúan al guepardo junto a los pumas, en una línea central de la radiación de los panterinos. **L.J.P.**

MUERTE CELULAR PROGRAMADA

A lo largo del reino animal existe una muerte celular que ocurre de forma natural tanto durante el desarrollo como en el mantenimiento de la homeostasis. A esta forma de muerte celular no patológica se le ha denominado muerte celular programada y ha sido estudiada ampliamente en el sistema nervioso en desarrollo y en el sistema inmunitario de vertebrados así como en muchos tejidos diferentes durante el desarrollo de invertebrados.

La función precisa de esta muerte celular programada, cómo se regula y cómo ocurre, está siendo objeto de una intensa

investigación. ¿Por qué ocurre la muerte celular programada? Basados en sus estudios en el nematodo *Caenorhabditis elegans*, Horvitz y sus colaboradores [Ellis et al., *Ann. Rev. Cell Biol.*, **7**, 663 (1991)] sugieren que las células que mueren de forma natural pueden dividirse en cinco categorías: (a) células que parecen no tener función (quizá porque son vestigios evolutivos) y que, por tanto, pueden ser eliminadas, (b) células que han sido generadas en exceso (de tal forma que algunas pueden desaparecer), (c) células que no se desarrollan de una forma correcta, (d)